

Sequence Information.

Sequence ID No. 1: ATR seq

1 GCGCTCTTCGGCAGCGGTACGTTTGGAGACGCCGGAACCCGCGTTGGCGTGGTTGACTAGTGCCTCGCAGCCT 75
5 76 CAGCATGGGGGAACATGGCCTGGAGCTGGCTTCCATGATCCCCGCCCTGCGGGAGCTGGGCAGTGCCACACCAGA 150
151 GGAATATAATACAGTTGTACAGAAGCCAAGACAAATTCTGTGTCAATTCATTGACCGGATACTTACAGATGTAAA 225
226 TGTGTGTGCTGTAGAACTTGTAAAGAAAACAGTCTCAGCCAACCTCCGTGATGTTGCTTGATTTTCATCCAGCA 300
301 TATCATGAAATCCTCCCACTTATGTTTGTAAATGTGAGTGGAAGCCATGAGCGCAAAGGCAGTTGTATTGAATT 375
376 CAGTAATTGGATCATAACGAGACTTCTGCGGATTGCAGCAACTCCCTCCTGTCATTTGTTACACAAGAAAATCTG 450
451 TGAAGTCATCTGTTTATTATTCTTTTAAAAGCAAGAGTCTGCTATTTTGGGGTACTCACAAAAGAAATT 525
10 526 ATTACAACTTTTGAAGACTTGGTTTACCTCCATAGAAGAAATGTGATGGGTCATGCTGTGGAATGGCCAGTGGT 600
601 CATGAGCCGATTTTAAAGTCAATTAGATGAACACATGGGATATTTACAATCAGCTCCTTTGCAAGTGTGATGAT 675
676 GCAAAATTTAGAAATTTATTGAAGTCACTTTATTAATGGTTCTTACTCGTATTATTGCAATTGTGTTTTTGAAG 750
751 GCAAGAACTCTTACTTTGGCAGATAGGTTGTGTTCTGCTAGAGTATGGTAGTCCAAAAATTAAATCCCTAGCAAT 825
826 TAGCTTTTAAACAGAACTTTTTCAGCTTGGAGGACTACCAGCACAAACAGCTAGCACTTTTTCAGCTCATTTTT 900
15 901 GGAATTATTTAAACACCTTGTAGAAATGGATACTGACCAATTGAAACTCTATGAAGAGCCATTATCAAAGCTGAT 975
976 AAAGACACTATTTCCCTTTGAAGCAGAAGCTTATAGAAATATTGAACCTGTCTATTTAAATATGCTGCTGGAAAA 1050
1051 ACTCTGTGTGATGTTTGAAGACGGTGTGCTCATGCGGCTTAAAGTCTGATTGCTAAAAGCAGCTTTGTGCCATTT 1125
1126 ACTGCAGTATTTCTTAAATTTGTGCCAGCTGGGTATGAATCTGCTTTACAAGTCAGGAAGGTCTATGTGAGAAA 1200
1201 TATTTGTAAGCTCTTTTGGATGTGCTTGAATTGAGGTAGATGCAGAGTACTTGTGGGCCCACTTTATGCAGC 1275
20 1276 TTTGAAAATGGAAAGTATGGAATCATTGAGGAGATTCAATGCCAAACTCAACAGGAAAACCTCAGCAGTAATAG 1350
1351 TGATGGAATATCACCCAAAGGCGTCTGCTCAGCTCGTCTCTAAACCTTCTAAAAGAGCACCAAAACAGACTGA 1425
1426 GGAATTTAAACATGTGGACATGAACCAAAAGAGCATATTATGGAGTGCAGTGAACAGAAAGCTGAATCCCTTCA 1500
1501 GATTTCCCTTGAATACAGTGGCCTAAAGAATCCTGTTATTGAGATGTTAGAAGGAATTGCTGTTGTCTTACAACT 1575
1576 GACTGCTCTGTGACTGTTTATTGTTCTCATCAAAACATGAAGTCCGTAATTTCAAGGACTGTCAACATAAATC 1650
25 1651 CAAGAAGAAACCTTCTGTAGTGATACTTGGATGTCTTGGATTTTACACAAAAGTCTTAAAGCTGTAGAAG 1725
1726 TTTGTTAGAATCTGTTTCAAGAACTGGACCTGGAGGCAACCATTTGATAAGGTGGTGAAAATTTATGATGCTTTGAT 1800
1801 TTATATGCAAGTAAACAGTTCATTGAGATCATATCCTGGAAGATTTATGTGGTATGCTCTCACTTCCATGGAT 1875
1876 TTATCCCATTCTGATGATGGCTGTTTAAAGTTGACCACATTTGCCGCTAATCTTCTAACATTAAGCTGTAGGAT 1950
1951 TTCAGATAGCTATTCACCACAGGCACAATCAGATGTGTGTTTCTTCTGACTCTGTTTCAAGAAGAATATTCT 2025
30 2026 TGAGTGGAGAACAGCAGTTTACAAGTGGGCCCTGCAGAGCTCCCATGAAGTAATCCGGGCTAGTTGTGTTAGTGG 2100
2101 ATTTTTTATCTTATTGCAGCAGCAGAATTTCTGTAACAGAGTTCCTCAAGATTTATAGATAAAGTCAAAGATGA 2175
2176 TTCTGACATTGTCAAGAAAGAATTTGCTTCTACTTGGTCAACTTGTCTGACTCTTACGGCATGTTTATCT 2250
2251 GACAAGTCTTTTAAACAGAACCTTTCTCTGAACACGGACATGTGGACCTCTTCTGTAGGAATTGAAAGCCACTTC 2325
2326 TCAACATGAATGTTTCTCTCAACTAAAAGCTTCTGTCTGCAAGCCATTCCTTTTCTACTGAAAAAATAAT 2400
35 2401 ACCTAGTCCAGTAAACTTGGCTTTCATAGATAATCTACATCATCTTTGTAAGCATCTTGATTTTAGAGAAGATGA 2475
2476 AACAGATGTAAAGCAGTCTTGGAACTTTATTAATTTAATGGAAGATCCAGACAAAGATGTTAGAGTGGCTTT 2550
2551 TAGTGGAAATATCAAGCAGATTTGGAATCCTTGGACTCTGAAGATGGATTTATAAAGGAGCTTTTGTCTTAAG 2625
2626 AATGAAGGAAGCATATACACATGCCCAATATCAAGAAATATGAGCTGAAGGATACCTTGATCTTACAACAGG 2700
2701 GGATATTGGAAGGGCCGCAAAAGGAGATTTGGTACCATTTGCACTCTTACACTTATTGCATTGTTTGTATCCAA 2775
40 2776 GTCAGCATCTGCTCTGGAGCAGCATACACAGAAATAGAGCTCTGGTTGCAGCTAAAAGTGTAAACTGCAAG 2850
2851 TTTTTTCAGCCAGTATAAGAAACCAATCTGTGCTGTTTGGTAGAATCCCTTCACTCTAGTCAGATGACAGCACT 2925
2926 TCCGAATACTCCATGCCAGAAATGCTGACGTGCGAAAACAGATGTGGCTCACCAGAGAGAAATGGCTTTAAATAC 3000
3001 GTTGTCTGAAATTGCCAACGTTTTCGACTTTCCTGATCTTAATCGTTTTCTTACTAGGACATTACAAGTCTACT 3075

3076 ACCTGATCTTGCTGCCAAAGCAAGCCCTGCAGCTTCTGCTCTCATTGAACTTTAGGAAAAACAATTAAATGTCAA 3150
3151 TCGTAGAGAGATTTTAATAAACAACTTCAAATATATTTTTTCTCATTGGTCTGTTCTGTCCAAAGATGAATT 3225
3226 AGAACGTGCCCTTCATTATCTGAAGAATGAAACAGAAATTGAACTGGGGAGCTGTTGAGACAAGATTTCCAAGG 3300
3301 ATTGACATAATGAATTATGCTGCGTATTGGAGAACTATCAACAGGTTTTTAATGGTTGTCAATACTTGCCCTC 3375
5 3376 ATTTGCATCCAGTGATGATCCATATCAGGGCCCCGAGAGATATCATATCACCTGAACGTATGGCTGATTATTACA 3450
3451 ACCCAAATTGTTGGGCATTTTGGCTTTTTTAACATGCAGTTACTGAGCTCTAGTGTGGCATTGAAGATAAGAA 3525
3526 AATGGCCTTGAACAGTTTGATGCTTTGATGAAGTTAATGGGACCCAAACATGTCAGTTCTGTAGGGTGAAGAT 3600
3601 GATGACCACACTGAGAACTGGCCTTCGATTCAAGGATGATTTTCTGAATTGTGTTGCAGAGCTTGGGACTGCTT 3675
3676 TGTTGCTGCTGGATCATGCTTGTCTGGGCTCCCTTCTCAGTCATGTAATAGTAGCTTTGTTACCTCTTATACA 3750
10 3751 CATCCAGCCTAAAGAACTGCAGCTATCTTCCACTACCTCATAATTGAAAAACAGGGATGCTGTGCAAGATTTTCT 3825
3826 TCATGAAATATATTTTTTACCTGATCATCCAGAATTAAGGATAAGCCGTTCTCCAGGAATACAGAAAGGA 3900
3901 GACCTCTGAGAGCACTGATCTTCAGACAACCTTCAGCTCTCTATGAAGGCCATTCAACATGAAAATGTCGATGT 3975
3976 TCGTATTATGCTCTTACAAGCTTGAAGGAAACCTTGATATAAAATCAGGAAAACTGATAAAGTATGCAACAGA 4050
4051 CAGTGAAACAGTAGAACCTATTATCTCAGAGTTGGTGACAGTGCTTTTGAAAGGTTGCCAAGATGCAAACTCTCA 4125
15 4126 AGCTCGGTTGCTCTGTGGGGAATGTTAGGGGAATTGGGGGCGATAGATCCAGGTGCGATTAGATTCTCAACAAC 4200
4201 TGAACCTCAAGGAAAAGATTTTACATTTGTGACTGGAGTGAAGATTCAAGCTTGCCTATGGATTATTGATGGA 4275
4276 GCTAACAGAGCTTACCTTGGTATGCTGATAATAGCCGAGCTCAAGATTGAGTGCCTATGCCATTGAGGAGTT 4350
4351 GCTTTCTATTTATGACTGTAGAGAGATGGAGACCAACGGCCAGGTCAACATTTGTGGAGGAGATTTCTGAGCA 4425
4426 TGTTGGGAAATACTAGAACCTCATCTAAATACCAGATACAAGATTCTCAGAACTCAACCGATTGGTCTGGAGT 4500
20 4501 AAAGAAGCAATTTACTTAAGTAAATTTGGGTAGTAACTTTGCAAGTGGTCAGCATCTTGGGAGGTTATCTTAT 4575
4576 TACAAAGGTTGACATGATCTTGGCAGTAAATTTTACCTGCTGTAGCATTATGATGAAGCATGATTTCAAAGT 4650
4651 GACCATCTATCTTCTCCACATATTCTGGTGTATGTCTTACTGGGTTGTAATCAAGAAGATCAGCAGGAGGTTTA 4725
4726 TGCAGAAATTATGGCAGTTCTAAAGCATGACGATCAGCATACCATAAATACCCAAGACATTGCATCTGATCTGTG 4800
4801 TCAACTCAGTACACAGACTGTGTTCTCCATGCTTGACCATCTCACACAGTGGGCAAGGCACAAATTTGAGGCACT 4875
25 4876 GAAAGCTGAGAAATGTCCACACAGCAAATCAACAGAAATAAGGTAGACTCAATGGTATCTACTGTGGATTATGA 4950
4951 AGACTATCAGAGTGAACCCGTTTTCTAGACCTCATACCCAGGATACTCTGGCAGTAGCTTCTTTCTGCTCCAA 5025
5026 AGCATACACAGAGCTGTAATGCATTTGAATCATTTATTACAGAAAAGCAAAATATTGAGGAACATCTTGG 5100
5101 ATTTTACAGAAATTTGATGCTGCTATGCATGAACCTGATGGAGTGGCCGGAGTCAGTGCAATTAGAAAGGCAGA 5175
5176 ACCATCTCTAAAAGAACAGATCCTTGAACATGAAAGCCTTGGCTTGTGAGGGATGCCACTGCTTGTATGACAG 5250
30 5251 GGCTATTCAGTGAACCCAGACAGATCATTCATTATCATGGTGTAGTAAAGTCCATGTTAGGTCTTGGTCAGCT 5325
5326 GTCTACTGTTATCACTCAGGTGAATGGAGTGCATGCTAACAGGTCGAGTGGACAGATGAATTAACACGTACAG 5400
5401 AGTGAAGCAGCTTGGAAATGTCACAGTGGGATTTGGTGGAAAACTATTGGCAGCAGATGGAAAACTACAAAC 5475
5476 ATGGAGTGTGAGCTGGGACAGCTATTATTATCAGCCAAAAAAGAGATATCAGAGCTTTTATGACTCACTGAA 5550
5551 ACTAGTGAGAGCAGAAACAAATGTACCTCTTTGAGCTGCAAGCTTTGAAAGAGGCTCTACCAACGAGGATATGA 5625
35 5626 ATATATTGTGAGATTGCACATGTTATGTGAGTTGGAGCATAGCATCAACCACTTTTCCAGCATTCTCCAGGTGA 5700
5701 CAGTTCTCAAGAAGATTCTCTAAACTGGGTAGCTCGACTAGAAATGACCCAGAAATTCCTACAGAGCCAAGGAGCC 5775
5776 TATCCTGGCTCTCCGGAGGGCTTTACTAAGCCTCAACAAAAGACCAGATTACAATGAAATGTTGGAGAATGCTG 5850
5851 GCTGCAGAGTGCCAGGGTAGCTAGAAAGGCTGGTCACCACCAGACAGCCTACAATGCTCTCCTTAATGCAGGGGA 5925
5926 ATCAGGACTCGCTGAACGTACGTGGAAAGGGCAAGTGGCTCTGGTCCAAGGGTGATGTTACCAGGCACTAAT 6000
40 6001 TGTTCTTCAAAAAGGTGTTGAATTATGTTTTCTGAAAATGAAACCCACCTGAGGGTAAGAATGTTAATCCA 6075
6076 TGGTCGAGCTATGCTACTAGTGGGCCGATTTATGGAAGAAACAGCTAACTTTGAAAGCAATGCAATTATGAAAAA 6150
6151 ATATAAGGATGTGACCGCGTCCCTGCCAGAATGGGAGGATGGGCATTTTACCTTGCCAAAGTACTATGACAAAT 6225
6226 GATGCCCATGGTCACAGACAACAAAATGGAAAAAGCAAGGTGATCTCATCCGGTATATAGTTCTTCATTTTGGCAG 6300
6301 ATCTCTACAAATATGGAATCAGTTCATATATCAGTCAATGCCACGAATGTAACTCTATGGCTTGATTATGGTAC 6375
45 6376 AAAGGCATATGAATGGGAAAAAGCTGGCCGCTCCGATCGTGACAAATGAGGAATGATTTGGGTAAAAATAACAA 6450
6451 GGTATACAGAGCATACAACTATTTAGCTCCATATCAATTTTTGACTGCTTTTTACAATGATCTCTCGAAT 6525
6526 TTGTCATTCTCAGGATGAAGTTTTGTGTCTTGATGGAATAATAGCCAAAGTATTCTAGCCTATCCTCAACA 6600

- 41 -

6601 AGCAATGTGGATGATGACAGCTGTGTCAAAGTCATCTTATCCCATGCGTGTGAACAGATGCAAGGAAATCCTCAA 6675
 6676 TAAAGCTATTCATATGAAAAATCCTTAGAGAAGTTTGTGGAGATGCAACTCGCCTAACAGATAAGCTTCTAGA 6750
 6751 ATTGTGCAATAAACCGGTTGATGGAAGTAGTTCACATTAAAGCATGAGCACTCATTTTAAATGCTTAAAAAGCT 6825
 6826 GGTAGAAGAAGCAACATTTAGTGAAATCCTCATTCCTCTACAATCAGTCATGATACCTACACTTCCATCAATTCT 6900
 5 6901 GGGTACCCATGCTAACCATGCTAGCCATGAACCATTTCTGACATTGGGCTATATTGCAGGGTTTGATGATAT 6975
 6976 GGTGGAAATTCCTGCTTCTCTCAGAAACCAAAGAAGATTTCTTTAAAGGCTCAGATGGAAAGTTCTACATCAT 7050
 7051 GATGTGTAAGGCAAAAGATGACCTGAGAAAGGATTGTAGACTAATGGAATTCATTCTTGATTAATAAGTGCTT 7125
 7126 AAGAAAAGATGCAGAGTCTCGTAGAAGAGAATTCATATTGGAACATATGCAGTTATTCCACTAAATGATGAATG 7200
 7201 TGGGATTATTGAATGGGTGAACAACACTGCTGGTTTGAGACCTATTCTGACCAAATATATAAAGAAAAGGGAGT 7275
 10 7276 GTATATGACAGGAAAAGAACTTCGCCAGTGTATGCTACCAAAGTCAGCAGCTTTATCTGAAAAACTCAAAGTATT 7350
 7351 CCGAGAATTTCTCTGCCAGGCATCTCTATTTTTCATGAGTGGTTTCTGAGAACATTCCTGATCCTACATC 7425
 7426 ATGGTACAGTAGTAGATCAGCTTACTGCCGTTCCACTGCAGTAATGTCAATGGTTGTTTATATTCTGGGGCTTGG 7500
 7501 AGACCGTCATGGTGAAATATTCTCTTTGATTCTTTGACTGGTGAATGCGTACATGTAGATTTCAATTGCTTTT 7575
 7576 CAATAAGGGAGAAACCTTTGAAGTTCAGAAATTTGTCATTTTCCCTGACTCATAATATGGTTAATGGAATGGG 7650
 15 7651 TCCTATGGGAACAGAGGGTCTTTTTCGAAGAGCATGTGAAGTTACAATGAGGCTGATGCGTGATCAGCGAGAGCC 7725
 7726 TTTAATGAGTGTCTTAAGACTTTTCTACATGATCCTCTGTGGAATGGAGTAAACAGTGAAGGGCATTCCAA 7800
 7801 AGCGCCACTGAATGAACTGGAGAAGTTGTCAATGAAAAGGCCAAGACCCATGTTCTTGACATTGAGCAGCGACT 7875
 7876 ACAAGGTGTAATCAAGACTCGAAATAGAGTGACAGGACTGCCGTTATCTATTGAAGGACATGTGCATTACCTTAT 7950
 7951 ACAAGAAGCTACTGATGAAACTTACTATGCCAGATGTATCTTGGTTGGACTCCATATATGTGAAATGAAATTAT 8025
 20 8026 GTAAAAGATATGTTAATAATCTAAAGTAATGCATTTGGTATGAATCTGTGGTTGTATCTGTTCAATTCTAAAG 8100
 8101 TACAACATAAATTTACGTTCTCAGCAACTGTTATTTCTCTGATCATTAAATTATATGTAATAATATACATTC 8175
 8176 AGTTATTAAGAAATAAACTGCTTTCTTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 8239

Sequence ID No. 2: ATR protein

1 MGEHGLELASHIPALRELGSATPEEYNTVVOKPROILCQFIDRILTDVNVVAVELVKKTOSQPTSV 66
 25 67 MLLDFIQHIMKSSPLMFVNVSGSHERKSGCIEFSNWIITRLLRIAATPSCHLLHKKICEVICSLFLFKSKSPAI 141
 142 FGVLTKEELLQFEDLVYLHRRNVMGHAEWVPVMSRFLSQLDEHMGYLSAPLOLMSQNLFIETVLLMVLTRI 216
 217 IAIVFFRRQELLLWQIGCVLLEYGSPKIKSLAISFLTELFOLGGLPAQPASTFFSSFLELLKHLVEMDTDLKLY 291
 292 EEPLSKLIKTLFPFEAEAYRNIEPVYLNMLEKLCVMFEDGVLMLKSDLLKAALCHLLOYFLKFVPAGYESALO 366
 367 VRKVYVRNICKALLDVLGIEVDAEYLLGPLYAALKMESMEIEEIOCOTOQENLSSNSDGISPKRRRLSSSLNPS 441
 30 442 KRAPKOTEEIKHVMNQKSLKWSALKQKAESLOISLEYSGLKNPVIENLEGIAVVLQLTALCTVHCSHQNMNCRT 516
 517 FKDCQHKSKKPSVVITWMSLDFYTKVLKSCRSLLSEVQKLDLEATIDKVKVIYDALIYMQVNSSFEDHILEDLC 591
 592 GMLSLPWIYSHDDGCLKLTTFANLLTLCRISDSYSPQAQSRCVFLTLFPRRIFLEWRTAVYNWALQSSHEV 666
 667 IRASCYSGFFILLOQONSCNRVPKILIDKVKDDSDIVKKEFASILGQLVCTLHGMFYLTSSLTEPFSEHGHVDLF 741
 742 CRNLKATSOHECSSQLKASVCKPFLFLKKKIPSPVKLAFIDNLHHLCKHLDFREDETDVKAVLGTLLNLMEDP 816
 35 817 DKDVRVAFSGNIKHILESLSDEDFIKELFVLRMKEAYTHAOISRNNEKDITLITGDI GRAAKGDLVPFALLH 891
 892 LLHCLLSKASVSGAAYTEIRALVAAKSVKLOSFSGYKPKICQFLVESLHSSQMTALPNTPCONADVRKODVAH 966
 967 QREMAINTLSEIANVFDPDLNRFLTRTLOVLLPDLAAKASPAASALIRTLGKQLNVNRREILINNFKYIFSHLV 1041
 1042 CSCSKDELERALHYLKNETEIELGSLLRODFQGLHNEILLRIGEHYQOVFNGLSILASFSSDDPYQGPDIISP 1116
 1117 ELMADYLOPKLLGILAFFNMQLSSSVGIEDKKMALNSLMMLKLMGPKHVSSVRVKMMTTLRGLRFKDDFPEL 1191
 40 1192 CCRAWDCFVRCLDHACGLSLSHVIVALLPLIHIQPKETAIFHYLIENRDAVQOFLHEIYFLPDHPELKKIKA 1266
 1267 VLQERYKETSESTDLQTLQLSMKAIQHENVVRIHALTSLKETLYKNQEKLIKATDSETEVEPIISQLVTVLLK 1341
 1342 GCQDANSOARLLCGECLGELGAIDPGRDFSTTETOGKDFTVTGVEDSSFAYGLLMELTRAYLAYADNSRAQDS 1416
 1417 AAYAIQELLSIYDCREHETNGPGHQLWRRFPEHVREILEPHLNTRYKSSOKSTDWSGVKKPIYLSKLGSNFAEWS 1491
 1492 ASWAGYLITKVRHDLASKIFTCCSIMMKHDFKVIYLLPHILVYVLLGCNOEDQOEYVAEIMAVLKHDOHTINT 1566
 45 1567 ODIASDLQCLSTOTVFSMLDHLTQWARHKFOALKAEKCPHSKSNRNKVDHSHVSTVDYEDYQSVTRFDLIPDITL 1641

1642 AVASFRSKAYTRAVMHFESFITEKKQNIQEHGLGFLQKLYAAMHEPDGVAGVSAIRKAEPSLKEQILEHESLGLLR 1716
 1717 DATA CYDRAIQLEPDQIIHYHGVVKSMLGLGQLSTVITQVNGVHANRSEWTDENLYRVEAAWKLSQWDLVENYL 1791
 1792 AADGKSTTWSVRLGQLLSAKKRDI AFYDSLKLVR AEQIVPLSAASFERSGYORGYEYIVRLHMLCELEHSIKP 1866
 1867 LFQHSPGDSSQEDSLNHVARLEMTQNSYRAKEPILALRRALLSLNKRDPYNEMVGEQWLOSARVARKAGHHQTAY 1941
 5 1942 NALLNAGESRLAELYVERAKWLWSKGDVHQAIVLQKGVELCFPENETPPEGKNMLIHGRAMLLVGRFMEETANF 1016
 2017 ESNAIMKKYKDVTA CLPEWEDGHFYLA KYDKLMPHVTDNKMEKQGD LIRYIVLHFGRSLOYGNQFIYQSNPRML 2091
 2092 TLWLDYGT KAYEWKAGRS DRVQMRNDLGKINKVITEHTNYLAPYQFLTAFS QLSIRICHSHDEVFVVLMEIIAK 2166
 2167 VFLAYPQQA MMTAVSKSSYPMRVNRCKEILNKAIHMKKSLEKFVGDATRLTDKLELCNKPVDGSSSTLSMST 2241
 2242 HFKMLKKLVEEATFSEILIPLOSVMIPTLPSILGTHANHASHEPFGHWAYIAGFDDMVEILASLQPKKISLKG 2316
 10 2317 SDGKFYIMMCKPKDOLRKDCRLMEFNSL INKCLRKDAESRRRELHIRTAVIPLNDECGII EWVNTAGLRPILT 2391
 2392 KLYKEKGVYMTGKELRQCMLPKSAALSEKLKVFREFLLPRHPIFHEWFLRTFPDPTSWYSSRSAYCRSTAVMSM 2466
 2467 VGYILGLGDRHGENILFDSL TGECVHVDFNCLFNKGETFEVPEIVPFR LTHNMVNGMGPMGT EGLFRRACEVTHR 2541
 2542 LMRDQREPLMSVLKTF LHDPLVENS KPVKGH SKAPLNETGEV VNEKAKTHVLDIEQRLOGVIKTRNRVTGLPLSI 2616
 2617 EGHVHYLIQEATDENLLCOMYLGHPTYM 2664

15 Sequence ID No. 3: rad3.seq

1 GGTACCAAGTAAAACTGCTTAGTAAGTATAAAACACAGAAGAATCCGCGATCTAGTGAACCAATGCCCTGCGTA 75
 76 TGACGCTCCACTGACGCTATAGTCAATGAGAACTAGGATGTGCGATTATAACTTATCTTTCAATATTTCTTAT 150
 151 TATTTATTTAAGAAATAATTGAATTA AAACCTCATTTCTCTTTTATTAGCGTAAAATAGCTTATTTCTCTCCT 225
 226 ACTACCTTTCAACAATAACTTTTTTTTTGTTTATTGACCATTAATCACATCAAAAGTCAAAAAATTCATCA 300
 20 301 TTATCAGAAACATCCAGCCTAATTA CTCTAAAAGTTAGTTTCTCTGAAAATTCAGTATCACAAAAGCTCGTTA 375
 376 ATTAGCATCGCTCGATACTTAGTGACCATGCATCTTCTTTACCTCGTGAGTGGAATCGATTGATAATCGAT 450
 451 TGCCACTTTTCGCATAATTCTATTGAGATATTTTACTTACAATCGTCTTTTATAAATGCTCAAGACTTTGAA 525
 526 CGCGCGTGTGCGTTTTAAAAAGGCCTTTTTGAATTGAATCAATGGTTTGATATAGTATGAGCCAAACACGCAA 600
 601 AAAGGAAAGCTGGGTCACTCGATCTTTCACCCAGAGGCTTAGATGACAGACAGGCTTTCGGACAGCTTTTGAAAG 675
 25 676 AAGTATTAGCATTAGACAAAGAACATGAGTTAGGTAGAGTAATTCTTTACCATCTATGACCTCCGAGCTTGTTG 750
 751 AAGTTTTAATTGAAGTTGGTCTTCTAGCTTTTAAACATGATGATTCAAAATCTGAATTTATCTCTCCTAAGATGC 825
 826 TAAAGAAGCCCATCTCTCTACAAGCGTTAATGCTAATCTTAAAAAGGTCTCCGACAGTTTTGCGGGAGATTA 900
 901 AATCATCTGTTACTCTTTTGATTGGATTTTACCAGGACTATATCATTGTTTGCTGATATTCGTTTTATTAAGT 975
 976 TATTTGACTCATTAAAAGAGTTTCATAAGCTAATTTATCAGCTAATCAGTGAAGAGTCATTCCTATGGGACTTAT 1050
 30 1051 ATGCTTCGTTTATGCGTTATTGGAATATTATATTACAAACGTTTCTCTATAGTTCTCAAATCACTAATGCTA 1125
 1126 CATTCCCTTACAAGATGCCCTCACCAATTCTCAACCATTGCAGAGTATCTCCCAAATTATCCAACCCATCGAG 1200
 1201 AGGACAAATTTGATTTACTTATCATTAAATAGAGGAGGCTTGACATTTTTCTTTGAAAGTGCCCATTTTTTTG 1275
 1276 CACAATGCTCATATTTAAGAAATCCAATTTCTAGTCCACCTCTCTTTACAGCGTGGACTTGGATCAAGCCAT 1350
 1351 GTTTTTTAATTTTGTTATTTTATTA AAACGAATCAGCATCGGAGACTCACAGCTCTTTCTACATTTGCATTAC 1425
 35 1426 GTATAGTCCAACTTTATGCTGTTTTCTTGAATTTTATATATCATGGCCTTCCCATTTGTGAAAAATCTAAAC 1500
 1501 ATATTTTAAATGCTCCATCAACTTAACATTGGGATCATTGAAGAAAACCTATACAGTTGCTAATACTGCTATAT 1575
 1576 CTCTTTTTTTCTCTCTTTATTTGTTTTACCCAAAACGTGAGCTGGTCTATTCTATCCTTTTGGGGTTTCTTAC 1650
 1651 TTTCTGACTTCAAGGTATTAGAGCAACTTGAACCAGATTCTGATCTCAAAAAGGCAATAATATTATTTAAGTGCA 1725
 1726 GATACCAAAGTTCAGAAATAGATCAAACAACCTCCGTGCTTTTGGCGAAATTTGTAAGTAACTTGAAACA 1800
 40 1801 CGTTGTTTTCTAACTCTGAATTAACCTTTTTCTTTTACATTATCTTTCTTGGACAATGACTTGTCAAATATTC 1875
 1876 TTAAAGTGGATTTCCAGAATGGTCATAACATATGTACATTTGCAAAATGGTGATAAACAACAACCTTAGATGAAC 1950
 1951 CGTCTAATTTAAAGCACTTTCTGAAATGTTAGATTATTATAGCTCTCATAATGTTACAATAAGTGAGGACGACC 2025
 2026 TGAAGAACTTCTCTTTAGTTTTGTGTACTCATGTTGCAAGGTGAATGAGAAAAACAAATAGTATTTCCGCACAT 2100
 2101 ATGAAGTACATGGTTGTGAAGTTTGAACCTCATTTTGTACTATTGATGAGCGGTCGCTTTTAAAAATCTCTT 2175
 45 2176 ATCACGAATGTTTTGTGCATTGCTAAAAAATCCCGACATAATTTCTCTCTGTTAAACAATCATTGTTGCTTG 2250

2251 ATGGCTTTTTTCGGTGGAGCCAGCATTGCTCAAACTTAATAAAGAATCAATGTTAAGTTTAAGAGAATTTATTA 2325
2326 TGAAAGCATTAGCCAGTACTTCAAGATGTTTACGTGTTGTTGCTGCAAAAGTTTGGCCATTTTCATTAAGGGAC 2400
2401 CTAATAATCTTGATATAGTTGAATTCACAAGGAAAGTAAAGCCTTGATTTTAAATACGTTGAAAAATTGGCGG 2475
2476 TGGAAAAACAGCTATTTAGAAACGGTCATTCCTTCTGGATCCTTATCTAGAGTGGTAGAAGAAGAAGAAAT 2550
5 2551 TACATTTTGTACTATTGGAAGTTATATCTTCTGTGATAAACAGCGGAATATTTTATCAAGGCATTGGTCTCAGCG 2625
2626 CTCTGCAACAAATTGCCTCGACGCGTCATATATCCGTTTGGCAATTACTTTCTCCATATTGGCCAACAGTGTCCG 2700
2701 TTGCGATTGTCCAAGGTATGGGTAAAAACCGAACATAGCCAGTTTATTGCTCAGCTTATGAATATTTCCGAGG 2775
2776 GCGATTTTCTTATTGCAACACAGGCGTACACTTTACCATTCCTTGTAAGTACTACTAAAAACAAAGCGTTAATAGTAC 2850
2851 GTATAGCTGAACTTTCAAAAGTGATGTTGCTACTTTGTGCTTACCAATATGCATAAAATCCTTGCTTGGCTAC 2925
10 2926 TTAATACGGATCATCCTAATTTGGAAGAGAGTGTGATGCTTCTTCTTCACTGGCCACTTCTGATTTTAAAAAAG 3000
3001 TTGATTTAACGCTCTTGTACGCTCTGATCCTATTCTATTACTGTGAGTTGTTACAGCTTTATCAGAATGATG 3075
3076 TTCTCATGAAAAAATTGAAATGCTTAAAGAAAGGTAGCAATGATTGTCTCTCAAGTGGTAAATGACGAAGACT 3150
3151 TGAGCAATAAGGAATTACTTTATGATTTTTTAAATAATCACATTTTGGGTATCTTAGCAGAATTTCTAATATCC 3225
3226 TTAACGACCTGAAAGSAAAGACTTCAATTAATGAAAAGATTAAAGACAATTGTGGCATTGAAAAATGTTATCTT 3300
15 3301 TATGTGGAGGTGACAGTCAAACCTGGATTACCACAGATACTTTCTAATTTACAAAGTGCTTTTCAAATGAGCACT 3375
3376 TAAGGTTTTATGCAATCAAAGCTTGGTTAGTATTAGCAACCAAGGAGCCGAGTATAGTTCAATTGCTG 3450
3451 GTTTAAGTCTTGTAATTTTACCTCCTTTATCCCTTATTAGAACCAAGAAGCAGAGCTAGTAATTCAAATAT 3525
3526 TTGATTTTATTCTTCTGACACACAAAGTGCTTACAAGGATTAAAGTGGGCTATCCCCACCAGTCTGGATTGAG 3600
3601 CGTGCTTTAGCCTTAAAGGCTAAAGAAATATCTGTGCTGCTTCAAATGAAGATTTTACTCTGAGCTTCAAAGTA 3675
20 3676 TAATTAAGTGTTTAACTAACGAAATGAGCCAGTTTGTATTAGGTTTACAAAAATTAGAACTTTTTTTTCAAG 3750
3751 CCAAGGTGGACGAGTTACATGACACATAAATTTGGACATATCCAACGAAGTTCTGGACCAATTACTAAGATGCC 3825
3826 TTTTAGATTGTTGTGTAATAATGCTTCAACAAATATGCAATATCATATCTTGCTGCAAAAAATCTTGGTGAAT 3900
3901 TGGGTGCGATAGATCCAGCCGCGCAAGGCTCAACATATATTAAAGAAACAGTTGTTCTTGATAACTTTGAAA 3975
3976 ACGGAGAAGAAAGTTTGAAGTTTATTCTAGATTTTATGCAATCGCAGTTAATCCAGCTTTCTTGTACTACTG 4050
25 4051 ATACTAAAGCACAAGGTTTTCTTGCTATGCTCTGCAAGAGTTTCTAAAGCTTGGTGGATTCAAGTCCGAGTGA 4125
4126 TTAATAAAAAAAGGGACTAAGTGTGTAACAGAACATTGGATGCTTTTGCTGATTTATCCAAACGTGTGCTTA 4200
4201 TACCATTTTAACTTCCAAGTATCATTTAACACCAATCCCCAAATTTGACATTCGGTACCCTATTTATAAAGAAA 4275
4276 ATGTTACTATTCTACTTGGATGACAGTTGTTTTCTCTTAAATTGATGGAGTACGCCCCATTGCAAAACGCTGAAA 4350
4351 AAATATTTGGTATTTGTTGCAAGTAGTGAAAGACCAAGAGTTAACATTCCCTGTTTTCTTCTTCCCTTTCTTG 4425
30 4426 TTTTAAATGTTATTTTAAACCGAGTCAGAACTGGAAGTTAATAAGTCATTGAAGAAATCCAGCTTGTTATTAATC 4500
4501 AACCGGGACCTGATGGATTAAATCCGTGGGGCAACAAAGATACACCTCATTTGTAGATGATTTTTTAAGATTG 4575
4576 TGGATTACCTTAACAAATGGCTTCGCATGCGAAAGAAGAGGAATTGGGATAGACGTTCTGCCATTGCAAGGAAAG 4650
4651 AGAACCGTTATATGTCGGTGGAAAGTGCTACCTCTCGAAGATCATGATCTCAAAAGTTGAGTCAATTTCTTTCTC 4725
4726 GATTTCTTCAAAAACATTAGGTAATGCTCTTTAAATTTGGSATTTATGCTCGTGCAATTGTTTTATTGGGAGC 4800
35 4801 AACACATACGTAATGCTACAGCTCCATATGCAGCTTTAGAGTCCGATTATAGAGTTTTGCAGGAAATATATGCTG 4875
4876 GAATTGATGATCCAGATGAAATCGAAGCAGTGTCTTTAAATTTCCATGATTACTCGTTTGATCAACAACCTCTTT 4950
4951 TACATGAAAAATTCAGGAACATGGGACTCGGCTTTGAGTTGTTACGAAATATTATTCAAAAGGATCCTGAAAAATA 5025
5026 AAAAGGCGAAAAATCGGTTTGCTTAACAGCATGCTGCAATCGGGGCATTATGAATCTCTGTTTGGATTAGATT 5100
5101 CTTTTATAATCAATGACAACCACGAGTATTCGAAGATGTTAAATTTGGGTATTGAAGCTTCATGGCGTTCGCTAT 5175
40 5176 CTATTGATTCGTTAAAAAAGTGTCTTTCAAAAAGCAACTTGAATCTTTGGAAGCTAAATTTGGGTAGCATATTT 5250
5251 ACCAATACCTACGGAAGGATTCTTTTGCTGAATTGACGGAGCGGCTGCAACCTTGACGTTGATGCTGCTACAG 5325
5326 CAATTGCAAAACACAGGCGCCCATTCAGCCTATGATTGTTATGATATTTATCTAAGCTGCACGCAATTAATGACT 5400
5401 TTAGTAGGATTGCTGAAACTGACGGAATTTGTTCCGACAATCTTGATATTGTTCTTCGCGCTCGGCTTAGCCAAG 5475
5476 TAGCTCCGTACGGTAAATTCAGCACCAATCTGTCTCACTCACTTAGTTGGCTATGAAAAATTTGAAAAACCGA 5550
45 5551 AGAAAACTGCTGAAATATATCTCGAGATTGCAAGAATATCTGAAAAAATGGTCAATTTCAAAGAGCCTTCAATG 5625
5626 CCATCTCAAAGCAATGGATTAGATAAACCGCTAGCAACAATAGAGCACGCAAAATGGTGGTGGCATCAAGGGC 5700
5701 AACATCGTAAAGCTATTTCTGAATTGAATTTTTCGCTTAATAACAACATGTTTGATTGGTTGATGAGCATGAAG 5775

- 44 -

5776 AAAGACCTAAAAATCGTAAAGAACTTTAGGAAATCCACTTAAAGGAAAAGTGTCTTGAAACTTACAAAATGGC 5850
 5851 TCGGAAAAGCTGGCCAACTGGGATTGAAGGATTTGGAGACGTATTATCATAAAGCGGTAGAGATTTACACAGAAT 5925
 5926 GTGAGAATACGCATTATTATCTTGGCCATCATCGAGTTTAAATGTATGAAGAAGAACAAAAGCTCCAGTTAATG 6000
 6001 AACAGAGCGAACGATTTTAAAGTGGTGAGTTAGTAACCTCGCATAATTAACGAATTTGGTCGATCTTTGTACTATG 6075
 5 6076 GTACAAATCATATATATGAAAGTATGCCAAAATTGCTCACACTGTGGCTTGATTTTGGGGCCGAAGAACTTCGCT 6150
 6151 TATCTAAAGATGACGGCGAAAAGTACTTTCTGTAACACATTATCTCTTCGAGAAAAAATCTTTGGAACCTTATGA 6225
 6226 ATTCGAATGTTTGTGCGCTTTCTATGAAAATTCCTCAATACTTTTTCTGGTTGCATTATCCCAAATGATATCCA 6300
 6301 GAGTATGCCATCCAAATAATAAGTTTATAAAAATTTTGAACATATAATTGCAACGTTGTAGCATCTTATCTCG 6375
 6376 GGGAGACGCTATGGCAATTAATGGCAACAATAAAATCGACTTCTCAAAGCGCTCGCTTCGTGGAAAAAGCAATT 6450
 10 6451 TAAATGTTTTACATTCTAGGAAGCTTTCTATGTCTTCCAAAGTTGATATAAAAGCACTCAGTCAATCTGCAATTC 6525
 6526 TCATTACTGAAAAGTTAATCAATTTGTGCAATACAAGGATTAACAGTAAATCTGTAAAAATGAGCTTAAAGGATC 6600
 6601 ATTTTCGGCTTTCTTTTGATGATCCGGTAGATTTAGTCATTCTGCTAAATCATTTTTAGACATTACTTTACCAG 6675
 6676 CTAAGATGCTAACAGAGCTAGTCATTATCCATTTCCAAAACCTCAGCCTACTCTGTTGAAATTTGAGGATGAGG 6750
 6751 TGGATATAATGAACCTCTCTTCAAAAACCAAGAAAAGTGTACGTTAGAGGTACGGATGGCAACTTATACCCATTCT 6825
 15 6826 TGTGCAAAACCAAGATGATCTTCGTAAGGATGCTAGATTGATGGAATTTAATAATCTTATTTGTAATAATTTGA 6900
 6901 GGAAAGATCAAGAAGCGAAGCAGAAGGAACCTTGTGTATTAGAAGTTATGTTGTTATTCCTTTAAATGAAGAATGCG 6975
 6976 GATTTATCGAATGGGTAAATCATACTCGTCCATTTAGAGAAATTTTGTAAAAAGCTATAGACAGAAAAACATTC 7050
 7051 CCATATCATATCAAGAAATCAAAGTTGATTTAGACTTTGCACTGCGAAGTCTAACCTGGTGATATATTTGAAA 7125
 7126 AGAAAATCTTACCGAAATTTCTCCAGTTTTTATGAGTGGTTTGTGAATCTTTCCAGAACCAATAATTGGG 7200
 20 7201 TTAGTAGTAGACAAACTATTGCCAACTTTAGCAGTAATGTCAATAGTTGGCTACGTTTGGGTTGGGAGATC 7275
 7276 GCCATGGCGAAAACATATTGTTGATGAATTTACAGGTGAAGCTATCCATGTCGATTTCAACTGTCTTTTGATA 7350
 7351 AAGGTCTTACTTTTGA AAAACCTGAAAAGGTGCCGTTGAGTTAACTCATAATATGGTAGATGCAATGGGTCCGA 7425
 7426 CAGGTTATGAAGGGGGTTTTCAGGAAAGCTAGCGAAATACGATGCGGCTTCTCGCTCAAACCAAGATACATTGA 7500
 7501 TGAGCGTACTAGAGTCTTTCTACATGATCCTTTAGTCGAGTGAATAGAAAAGTCTGCAAGCAAGTACCCGA 7575
 25 7576 ATAATGAAGCAATGAAGTTTGGATATAATTCGCAAAAAATTTCAAGGCTTTATGCCAGGGGAGACGATACCTT 7650
 7651 TATCTATTGAAGGGCAAAATCAAGAAATGATCAAATCTGCTGTCAACCCAAAAACCTGGTAGAAATGTACATTG 7725
 7726 GTTGGGCTGCTTATTTTATAGCATTTTACTAACAAAAATTTCAATGAACAAGCTACCCATTATTAACCTTATGATT 7800
 7801 TGAATCGAAGATATTTTATTTAATCCGATGAAGAATTTCTCGTGAGTTGTTCAATTTCTTGAATTTTCTT 7875
 7876 CCATTTCTAAATCGTCGATTCGCTTAAATAGGGCACTGGCTTTTGTGCATTTTCTCTCGTAAAGCAGCTTCG 7950
 30 7951 ATTGAAAAAAGCTATATCTGTTTCTGAGTCATCATCCGAATCAACAATATATTTGCAGATCGACCTGCAG 8022

In italics, sequenced by Seaton et al.

In Bold are those bases deleted in Seaton et al. (2499, 22501, 2507, 2509)

Underlined are the two bases either side of a single C insert (5918/5919) in Seaton et al.

(i.e. the incorrect base not shown, but the one residue either side is)

35 Sequence ID No. 4: rad3 protein

1 MSQAKRKAGSLDLSRGLDDROAFGQLLKEVLALDKEHELGRSNLSPSMTSELVEVLIEVGLLAFKHDSKSEF 75
 76 ISPKMLKEAHLSQLMLILKRSPTVLREIKSSVTLWDILPRTISLFADIRFIKLFDSLKEFHKLIIYQLISEKS 150
 151 FLWDLYASFMRWYKYITNVSSIVLQITNATFPYKMPSPNSQPLQISPNYPPTHREDKFDLLIINIEACTFFFE 225
 226 SAHFFAQCSYLKKS NFSPPLFTAWTWIKPCFFNFVILLKRISIGDSQLFLHLHSRIVOTLCCFSLNFIYHGLPI 300
 40 301 CEKSKHILMSSINLTGSLKTTYVANTAISLFFLSLVLPKTVAGLFYFPGVSLLSDFKVLQLEPDSDLKKA 375
 376 ILFKCRYQSSEIDQTLRAFGICTGKLENTLFSNSELNLLHLYSLDNDLSNLIKVDVFQNGHNICTFAKWCIN 450
 451 NNLDEPSNLKHFREMLDYSSHNVTSIEDDLKNFSLVLC THVAKVNEKTNSIFRTYEVHGCEVCNSFCLLFDERS 525
 526 PFKIPYHELFCALLKNPDIISSSVKQSLLLDGGFRWSQHC SNFNKESMLSLREFIMKALASTSRCLRVAKVLP 600

601 IFIKGPNNDIVFHKESKALIFNTLKILAVENTAILLETIVLSWISLSRVVEEELHFWLLEVISSVINSGIFYO 675
676 GIGLSALQQIASTRHISVWQLLSPYWPTVSVAIVQGMGKKPNIASLFAQLMNISEGDFLIRTOAYTLPLVLTKN 750
751 KALIVRIAELSOSDVATLCLTNMFKILASLLTTDHPNLEESVHLLSLATSDFEKVDLTSLRSDPISITVELLO 825
826 LYQNDVPHEKIEANLRKVAMIVSQVNDLSDNKELLYDFFNNHILGILAEFSNINLNLKGKTSINEKIKTIVGI 900
5 901 EKMLSLCGGAVKLGLPOTILSNLOSAFQNEHLRFYAIKAWFSLILATKEPEYSSIAGLSLVILPPLFPYLEPQEA 975
976 LVIQIFDFISSDTHKCLQGLKWAIPISLDSACFSLKAKEIFCSLONEDFYSELQSIKCLTNEPVCYLGLOKL 1050
1051 ELFFOAKVDELHDTLNLDISNEVLDQLRCLLDCCVKYASTAMQISYLAAKNLGELGAIDPSRAKAQHIIKETVV 1125
1126 LDNFENGESLKFILDFMOSQLIPAFVLTDTKAQGLAYALOEFLKGGFKSAVINKKKGLTVYTEHMSLPDL 1200
1201 SKRVLIPFLTSKYHLTPPKIDIRPIYKENVTIHTWOLFSLKLMHEYAHSQNAEKIFGICSKVVKDQEVNIPCF 1275
10 1276 LLPFLVLNVILTESELEVNKVIEEFQLVINQPGPDGLHVSQGQRYTSFVDVFFKIVDYLKWLRMKRKNWDRRS 1350
1351 AJARKENRYMSVEDATSRESSISKVESFLSRFPSKTLGIVSLNCGFHARALFYWEQHIRNATAPYAALES DYRVL 1425
1426 QEIYAGIDDPDEIEAVSLNFHDYSFDQQLLLHENSNGTHSALSCEYIIIOKDPENKKAKIGLLNSMLQSGHYESL 1500
1501 VLSLDSFIINDNHEYSKMLNLGIEASHRSLSIDSLKKCLSKSNLESFEAKLGSIFYQYLRKDSFAELTERLOPLY 1575
1576 VDAATAJANTGAHSAYDCYDILSKLHAINDFSRIAETDGIYSDNLDIVLRRRLSQVAPYGFKFKHILSTHLVGYE 1650
15 1651 KFENTKKTAIEIYLEIARISRKNGQFORAFNATLKAMDLDKPLATIEHAQWMMHOGHRKAISELNFSLNNMFOL 1725
1726 VDEHEERPKNRKETLGNPLKGKVFLLTKWLKGAGOLGLKOLETYHKAVEIYSECENTHYLGHHRVLMYEEEO 1800
1801 KLPVNEQSERFLSGELVTRIINEFGRLYYGTNHIYESMPKLLTLWDFGAELRLSKDGEKYFREHIISRKK 1875
1876 SLELMNSNVCRLSMKIPQYFFLVALSOMISRVCHPNKVKYKILEHIANVVASYPGETLWQLMATIKSTSOKRSL 1950
1951 RGKSILNLVLSRKLMSKSKVDIKALSQSAILITEKLINLCNTRINSKSVKMSLKHFRLSFDDPVDLVIPAKSFL 2025
20 2026 DITLPAKDANRASHYPFPKTOPTLLKFEDEVDMNSLOKPRKVYVRGTDGNLYPFLCKPKDDLKDKARLMEFN 2100
2101 ICKILRKDOEANRRNLCIRTYVVIPLNEECGFIEWVNHTRPFREILLKSYROKNIPISYQEIKVOLDALRSPNP 2175
2176 GDIFEKKILPKFPPVYEFVYVESFPEPNNWVTSRQNYCRTLAVMSIVGYVLGLGDRHGENILFDEFTGEAIVHDF 2250
2251 NCLFDKGLTFEKPEKVPFRLTHNMVDAMGPTGYEGGFRKASEITMRLLRSNQDTLMSVLESFLHDPLVEWNRKKS 2325
2326 SSKYPNNEANEVLDIIRKKFQGFMPGETIPLSIEGQIQELIKSAVNPKNLVEMYIGHAAYF 2386